

## 0.a. Objectif

Objectif 3 : Permettre à tous de vivre en bonne santé et promouvoir le bien-être de tous à tout âge

## 0.b. Cible

Cible 3.3 : D'ici 2030, mettre fin à l'épidémie de sida, à la tuberculose, au paludisme et aux maladies tropicales négligées et combattre l'hépatite, les maladies transmises par l'eau et d'autres maladies transmissibles

## 0.c. Indicateur

Indicateur 3.3.4 : Incidence de l'hépatite B pour 100 000 habitants

## 0.d. Série

Sans objet

## 0.e. Mise à jour des métadonnées

Avril 2021

## 0.f. Indicateurs connexes

## Indicateurs connexes

## 0.g. Organisation(s) internationale(s) responsable(s) de la surveillance mondiale

Organisation mondiale de la Santé

## 1.a. Organisation

Organisation mondiale de la Santé

## 2.a. Définition et concepts

### Définition :

Cet indicateur est mesuré indirectement par la proportion d'enfants de 5 ans qui ont développé une infection chronique par le VHB (c.-à-d. la proportion qui est positive pour un marqueur d'infection appelé

antigène de surface de l'hépatite B [AgHBs]). <sup>1</sup>

Antigène de surface de l'hépatite B : protéine de la couche du virus. Un test positif pour AgHBs indique une infection active par le VHB. La réponse immunitaire à l'AgHBs fournit la base de l'immunité contre le VHB, et l'AgHBs est le composant principal de l'hépatite B. <sup>2</sup>

### Concepts :

Il n'est pas possible, pour des raisons cliniques, de différencier l'hépatite B de l'hépatite causée par d'autres agents viraux, par conséquent, la confirmation en laboratoire du diagnostic est essentielle. L'antigène de surface de l'hépatite B est le test d'hépatite B le plus courant. La présence d'AgHBs dans le sérum indique que le patient a contracté une infection par le VHB. La mesure des niveaux de AgHBs a été normalisée en UI/ml. Le test est utilisé pour identifier les personnes à risque de propagation de la maladie. L'AgHBs, un antigène de la couche virale du VHB, est produit en grande quantité dans le cytoplasme des cellules infectées et continue d'être produit chez les patients atteints d'une infection chronique et active par le VHB. La positivité documentée de l'AgHBs dans le sérum pendant 6 mois ou plus suggère un VHB chronique avec une faible probabilité de résolution spontanée ultérieure.

## 2.b. Unité de mesure

---

Prévalence de l'antigène de surface de l'hépatite B chez les enfants de moins de cinq ans (proportion d'infection chronique)

## 3.a. Sources de données

---

Une recherche systématique sur les articles publiés entre le 1er janvier 1965 et le 30 octobre 2018, dans les bases de données Embase, PubMed, Global Index Medicus, Popline et Web of Science.

Après un examen complet du texte, nous avons extrait les données de chaque étude en utilisant les variables suivantes : caractéristiques de l'étude (dates de l'étude et de la collecte des échantillons, lieux de l'étude, c'est-à-dire, ville, sous-national [une zone, une région, un état ou une province dans un pays] ou national), caractéristiques des participants (tranche d'âge, sexe, année et groupe de population) et prévalence du marqueur du VHB, type de tests de laboratoire et nombre de participants sur lesquels la prévalence du marqueur du VHB était basée.

Les données des articles éligibles ont été saisies dans une banque de données Microsoft EXCEL® et/ou Distiller par deux examinateurs indépendamment. Les informations ont été extraites pour le nom de l'auteur, l'année, l'âge, le sexe, le marqueur, le test de laboratoire utilisé, le nombre d'individus testés, la prévalence de chaque marqueur lorsqu'elle est rapportée, le groupe de population (population générale, travailleurs de santé ou donneurs de sang) et si les données déclarées étaient pour une ville, un niveau sous-national (une zone, une région, un état ou une province dans un pays) ou national, le PIB par habitant. En plus de l'AgHBs, l'AgHBe a été enregistré, dans la mesure où il était disponible pour les personnes pour lesquelles l'AgHBs était également déclaré. Afin d'enregistrer les informations sur la qualité méthodologique et les biais de l'étude résultant de la non-représentativité, une variable supplémentaire a été utilisée : les échantillons susceptibles d'être représentatifs pour le pays/la région spécifié(e) ont été codés 0 et les autres, par exemple les échantillons de convenance dans certaines communautés ou tribus du pays, ont reçu un 1, complété par des informations supplémentaires. L'information sur le risque de biais/non-représentativité a été appliquée si la population n'était ni un travailleur de santé ni un donneur de sang (voir description ci-dessous). Les variables extraites des études et les hypothèses formulées sont décrites en détail dans ce qui suit :

1. Auteur, Date
2. Année de début/fin de réalisation de l'étude : L'année de début et de fin de l'étude a été extraite. Si cette information n'était pas disponible dans les études, nous avons utilisé l'hypothèse communément

- admise selon laquelle l'étude a été menée deux ans avant l'année de publication (par exemple, auteur, 2000, année de réalisation de l'étude : 1998).
3. Sexe : Les valeurs spécifiques au sexe ont été extraites. Si seule une estimation globale (tous) était fournie, la part des femmes dans l'étude était précisée dans la colonne informations complémentaires.
  4. Début/fin d'âge : La tranche d'âge la plus spécifique fournie par les données a été extraite. Si le groupe d'âge sur lequel la valeur du paramètre était basée n'était pas disponible, des hypothèses ont été faites en fonction du contexte de l'étude. Par conséquent, ce qui suit a été appliqué en cas d'informations manquantes sur les groupes d'âge de la population étudiée :
    5. Si l'étude a été menée dans la population générale sans autre précision et si une seule estimation de la prévalence est fournie, le groupe d'âge a été considéré comme étant de 0 à 85 ans. Par la suite, si le groupe d'âge de début et de fin est manquant, la valeur inférieure du groupe d'âge le plus jeune est de 1 an, la valeur supérieure des groupes d'âge les plus âgés est de 85 ans.
    6. Si l'étude a été menée auprès de populations adultes mais qu'aucune tranche d'âge n'est fournie, la tranche d'âge est considérée comme étant de 17 à 65 ans.
    7. Si l'étude a été menée auprès d'élèves mais qu'aucune fourchette d'âge n'est fournie, la tranche d'âge est considérée comme étant de 5 à 15 ans.
    8. Si l'étude a été menée auprès de femmes enceintes mais qu'aucune tranche d'âge n'est fournie, le groupe d'âge est considéré comme étant de 15 à 49 ans (âge de la reproduction).
    9. Si l'étude a été menée auprès de donneurs de sang mais qu'aucune tranche d'âge n'est fournie, le groupe d'âge est considéré comme étant de 17 à 65 ans.
    10. Si l'étude a été menée auprès de recrues de l'armée ou de soldats mais qu'aucune tranche d'âge n'est fournie, on considère que le groupe d'âge est de 18-45 ans.
    11. Si l'étude a été menée auprès de la population active mais qu'aucune tranche d'âge n'est fournie, le groupe d'âge est considéré comme étant de 16 à 65 ans.
  12. Prévalence de l'AgHBs : L'estimation de prévalence la plus spécifique fournie par les données a été extraite (définie par la prévalence par âge/sexe/année). Des lignes distinctes pour chaque marqueur ont été utilisées dans le fichier d'extraction des données (par exemple, une pour l'AgHBe et une pour l'AgHBs, même si le groupe d'étude/la publication était le même).
  13. Prévalence de l'AgHBe (marqueur facultatif) : L'estimation de la prévalence la plus spécifique (définie par la prévalence par âge/sexe/année) de l'AgHBe chez les personnes positives à l'AgHBs a été extraite et, le cas échéant, a été calculée pour refléter la prévalence chez les porteurs de l'AgHBs.
  14. Prévalence de l'anti-HBc (marqueur facultatif) : L'estimation de prévalence la plus spécifique fournie par les données a été extraite (définie par la prévalence par âge/sexe/année).
  15. Méthode de laboratoire : Le test des marqueurs de la réponse immunitaire de l'infection par le VHB a commencé dans les années 1970 par la technique de contre-immuno-électrophorèse (CIEP). Depuis, différentes méthodes de détection ont été développées (RIA, EIA, ...). La méthode la plus appliquée dans les études de prévalence est l'ELISA (enzyme-linked immunosorbent assay). Cinq catégories ont été établies pour enregistrer la méthode/le test utilisé pour la détection de la prévalence dans les études : ELI nouveau (ELISA -2, -3, EIA, ...), EIA ancien (CMIA, CIEP, RPHA), NAT (qPCR/ PCR en temps réel, nested PCR, multiplex PCR), autre (par exemple RIA) ; Inconnu/non spécifié.
  16. Pays : Les noms de pays ont été enregistrés selon <https://www.who.int/fr/home> et, à des fins d'analyse supplémentaire, ont été regroupés selon les six régions de l'OMS : la région africaine, la région des Amériques, la région de la Méditerranée orientale, la région européenne, la région de l'Asie du Sud-Est et la région du Pacifique occidental.
  17. Taille de l'échantillon d'individus sur lesquels du sang a été prélevé / d'individus impliqués dans les analyses ou dans les bases pour les paramètres d'estimation : En tant qu'indicateur de qualité de l'étude, nous avons fait une distinction entre la taille effective de l'échantillon, c'est-à-dire le nombre d'individus impliqués dans les analyses ou dans les bases pour les paramètres d'estimation, et le nombre d'individus sur lesquels du sang a été prélevé (colonne séparée) et la taille de l'échantillon initialement calculée/planifiée (colonne séparée).
  18. Population : Bien que l'accent ait été mis sur la population générale, deux groupes supplémentaires ont été inclus et spécifiés. Il s'agit de : TS et donneur de sang (en plus de sous-groupes non spécifiés, rémunérés, non rémunérés/volontaires). Si dans cette colonne « la population » a été spécifiée comme TS ou donneur de sang et non comme population générale, la colonne de risque de biais (suivante) reste vide.

19. Niveau : L'information est fournie si l'étude a été menée au niveau national, sous-national, au niveau de la ville ou si le niveau n'a pas été précisé davantage (quatre catégories).
20. Lieu de l'étude : Cette variable à texte libre précise la ville/zone du pays où l'étude incluse a été menée. Les variables/colonnes Niveau et Lieu de l'étude ont été incluses en plus suite à la réunion de l'OMS sur l'impact de la vaccination contre l'hépatite B à l'OMS, Genève, en mars 2014.

Données supplémentaires provenant d'autres sources que les études éligibles :

1. Année d'introduction du vaccin dans l'ensemble du pays : les données proviennent des rapports officiels des États membres de l'OMS et, sauf indication contraire, les données sont déclarées chaque année dans le cadre du processus de déclaration conjointe OMS/UNICEF.  
[http://www.who.int/entity/immunization/monitoring\\_surveillance/data/year\\_vaccine\\_introduction.xls?ua=1](http://www.who.int/entity/immunization/monitoring_surveillance/data/year_vaccine_introduction.xls?ua=1) (en anglais).
2. Période à laquelle l'étude a été menée : pré-vaccination ou post-vaccination. Cette période est déterminée en fonction de l'année d'introduction dans l'ensemble du pays.
3. Série d'estimations de couverture : les données sont obtenues auprès du WUENIC (en anglais) : [http://apps.who.int/immunization\\_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html](http://apps.who.int/immunization_monitoring/globalsummary/timeseries/tswucoveragebcg.html)
4. Le PIB par habitant a été utilisé à partir des données de l'ONU qui compile les informations de la Source de la Banque mondiale <http://data.un.org/Data.aspx?q=GDP&d=SNAAMA&f=grID%3a101%3bcurrID%3aUSD%3bpcFlag%3a1> (en anglais),
5. Données de longitude et de latitude (source : [www.google.com](http://www.google.com)).
6. Les données sur la structure et la taille de la population pour chaque pays provenaient de la Division de la population de l'ONU : <https://www.un.org/development/desa/pd/fr>

### 3.b. Méthode de collecte des données

---

L'OMS donne aux États membres la possibilité d'examiner et de commenter les données dans le cadre du processus dit de consultation des pays. Les États membres reçoivent une annexe contenant les estimations spécifiques à leur pays, les enquêtes sérologiques utilisées pour alimenter le modèle mathématique et le résumé de la méthodologie. Ils disposent de suffisamment de temps pour fournir toute étude supplémentaire à examiner en fonction des critères d'inclusion et de sélection.

### 3.c. Calendrier de collecte des données

---

L'examen systématique des enquêtes sérologiques publiées et des estimations de modèles est mis à jour chaque année. La prochaine révision est prévue pour le dernier trimestre de 2019.

### 3.d. Calendrier de diffusion des données

---

Deuxième trimestre de chaque année

### 3.e. Fournisseurs de données

---

Organisation mondiale de la Santé

### 3.f. Compilateurs des données

---

## 4.a. Justification

---

L'objectif est de décrire la réduction des infections chroniques par l'hépatite B. La majeure partie du fardeau de morbidité liée à l'infection par le VHB provient d'infections acquises avant l'âge de 5 ans. C'est pourquoi la prévention de l'infection par le VHB se concentre sur les enfants de moins de 5 ans. Les Nations Unies ont choisi l'incidence cumulative de l'infection chronique par le VHB à l'âge de 5 ans comme indicateur de la cible de l'objectif de développement durable pour la « lutte contre l'hépatite ». Cet indicateur est mesuré indirectement par la proportion d'enfants de 5 ans qui ont développé une infection chronique par le VHB (c'est-à-dire la proportion qui est positive pour un marqueur d'infection appelé antigène de surface de l'hépatite B [AgHBs]).

## 4.b. Commentaire et limites

---

Les principales limites de l'analyse sont que, malgré un examen exhaustif de la littérature, il existe moins de données sur les études post-vaccinales que sur les études pré-vaccinales. Le modèle s'inspire largement des études pré-vaccinales chez les adultes.

La qualité des études et des données a été évaluée en examinant la représentativité de l'échantillonnage. Le facteur de biais est une variable dichotomique.

Parmi les biais potentiels importants, on peut citer la représentation géographique des points de données. En outre, les études provenaient de nombreuses sources disparates, comme les donneurs de sang et les femmes enceintes. Les questionnaires destinés aux donneurs excluent souvent les personnes présentant des facteurs de risque pour les maladies transmissibles par le sang et les femmes enceintes peuvent présenter une prévalence plus élevée que celle de la population générale, comme le montrent les études visant à déterminer l'effet d'une dose de vaccin à la naissance pour prévenir la transmission verticale. Étant donné que la proportion des études et la taille des études réalisées avec des donneurs de sang étaient nettement plus importantes que celles réalisées avec des femmes enceintes, nous pouvons supposer que nos estimations de la prévalence de la pré-vaccination sont peut-être faibles.

## 4.c. Méthode de calcul

---

Les données ont été modélisées à l'aide d'une régression logistique bayésienne examinant la proportion d'individus testés positifs pour l'AgHBs dans chaque étude, en pondérant chaque étude par sa taille et en utilisant un modèle autorégressif conditionnel (CAR) tenant compte des corrélations spatiales et économiques entre pays similaires. Ce modèle utilise les données des pays bien échantillonnés pour estimer la prévalence dans les pays plus pauvres en données avec des effets tels que le sexe, l'âge et le statut vaccinal, ceux-ci sont également informés par la proximité géographique et le PIB des pays avec d'autres pays (modèle CAR). Selon l'hypothèse que les pays proches économiquement et/ou géographiquement auront une prévalence plus similaire en raison d'une structure sociale et de capacités de soins de santé similaires.

La variable réponse du modèle était la prévalence de l'antigène de surface de l'hépatite (AgHBs), les variables explicatives étant l'âge (trois catégories, moins de 5 ans, mineur (5-15 ans) et adulte (16 ans ou plus), réparties en utilisant l'âge moyen des participants à l'étude), le sexe (proportion de femmes dans l'étude), le biais de l'étude (par exemple, une fraction élevée de participants à l'étude provenant de populations indigènes), la couverture vaccinale à 3 doses, la dose de vaccin à la naissance et le pays de l'étude. La couverture de la vaccination systématique à 3 doses et de la vaccination à la naissance dans chaque étude a été calculée en croisant l'année et l'âge des participants de chaque étude avec les estimations de couverture vaccinale correspondantes de l'OMS-UNICEF pour ce pays. Les estimations de l'OMS-UNICEF sont des données annuelles pour l'ensemble du pays et ne contiennent pas d'informations

sur l'efficacité du vaccin, celle-ci n'a pas été utilisée dans l'analyse car aucune donnée à ce sujet n'a été obtenue. L'efficacité du vaccin serait implicitement estimée dans l'analyse car nous constatons que la vaccination a un effet variable dans le temps et l'espace dans les études. La couverture de la vaccination systématique à 3 doses et de la vaccination à la naissance dans chaque étude a été calculée en croisant l'année et l'âge des participants de chaque étude avec les estimations correspondantes de la couverture vaccinale de l'OMS-UNICEF pour ce pays. La couverture de la vaccination systématique à 3 doses et de la vaccination à la naissance dans chaque étude a été calculée en croisant l'année et l'âge des participants de chaque étude avec les estimations de couverture vaccinale de l'OMS-UNICEF correspondantes pour ce pays. Plus précisément, le modèle utilise les âges et le moment de l'étude pour calculer les années de naissance des participants. Ainsi, si une étude menée en 2015 portait sur une tranche d'âge de 10 à 15 ans, les années de naissance s'étendraient de 2000 à 2005, nous avons ensuite calculé la moyenne de la couverture vaccinale à partir des estimations de l'OMS-UNICEF sur ces 5 années en supposant que chaque âge était représenté de manière égale dans cette tranche d'âge dans l'étude. Le même processus a été utilisé pour la vaccination à 3 doses et la vaccination à la naissance.

L'équation du modèle logistique général est décrite ci-dessous,

$$Y_i \sim \text{Binôme}(\pi_i, N_i), \log \pi_i = \beta_0 + \sum_{j=1}^p \beta_j x_{ij} + u_i$$

où  $\beta_j$  sont les effets fixes des variables explicatives xii. Avec les effets aléatoires spatiaux décrits par

$$u_i \sim N(u_i, \sigma^2 u_i / n_i)$$

où

$$u_i = \sum_{j \in \text{neigh}(i)} w_{ij} u_j / n_i$$

où  $n_i$  est le nombre de voisins pour le pays  $i$  et les poids  $w_i$ , valent 1.

Le modèle a été simulé dans le module statistique bayésien WinBUGS, et la manipulation des données et l'initialisation du modèle exécutées à partir de R (3.3.1) en utilisant R2WinBUGS. Le modèle prend en compte les paramètres de l'âge, du sexe, du biais de l'étude (par exemple, une fraction élevée de participants à l'étude provenant de populations indigènes), de la couverture vaccinale, de la dose du vaccin à la naissance et du pays de l'étude.

Le modèle utilise la fonction CAR-normale, dans WinBUGS, pour modéliser l'autocorrélation géographique et économique liée aux pays voisins. Pour chaque pays disposant de données de prévalence, une position centrale pondérée a été calculée en utilisant la taille et la localisation de chaque étude. Pour les pays ne disposant pas de données, nous avons utilisé le centroïde de la population. Dans une approche novatrice, nous avons considéré 3 dimensions dans la matrice d'adjacence des pays; nous avons utilisé les dimensions géographiques habituelles, la latitude et la longitude, et nous les avons également combinées avec le log naturel du PIB par habitant du pays, ceci afin de mesurer non seulement la proximité géographique mais aussi la proximité de développement des pays. La matrice d'adjacence pour la distance géo-économique donne un score entre chaque pays et tous les autres pays. Les pays qui sont proches géographiquement et économiquement ont un score faible et ceux qui sont plus éloignés géographiquement ou économiquement ont un score/distance élevé. Par conséquent, les pays qui se ressemblent le plus auront un score faible et les pays qui sont moins semblables auront un score élevé.

On a ensuite exploré la façon dont nous avons proportionné la distance géographique et économique pour produire la matrice d'adjacence, ceci parce que la distance géographique peut être plus ou moins importante que les similitudes économiques. Ainsi, en créant un certain nombre de matrices d'adjacence différentes (non définitives), nous avons pu sélectionner la matrice la plus adaptée qui explique le mieux la réalité. Nous avons normalisé la distance géographique et la distance du PIB, puis nous avons calculé la distance entre ces deux chiffres normalisés. Cela crée une surface gaussienne lissée qui dépend à la fois de la proximité spatiale et de la proximité du PIB par habitant. Nous avons comparé des ratios de, 1:0, 1:1, 2:1, 1:2 (Géographie:PIB).

Pour chaque matrice d'adjacence différente, nous avons également dû choisir une distance de voisinage, c'est-à-dire sur quelle distance un pays peut être affecté par un autre. Ainsi, nous avons également fait

varier le rayon de distance à partir duquel sélectionner les voisins pour le réseau de voisinage, nous avons utilisé la distance minimale maximale, deux fois le minimum maximal et trois fois le minimum maximal, faisant ainsi varier le nombre de voisins que chaque pays aurait.

Enfin, pour décider de l'ampleur de l'effet d'un pays sur un autre dans le réseau de voisinage, nous avons fait varier les poids des paires de pays dans la matrice d'adjacence, en utilisant soit une pondération neutre de 1, de sorte que chaque voisin a un effet égal sur les autres (ne dépendant pas de la distance dans le réseau), soit des poids décroissants sur la distance avec  $1/\text{distance}$ , et  $1/\text{distance}^2$ , où plus le pays est proche, plus son effet sur un autre pays est important. Le résultat de ces 36 combinaisons différentes a conduit à trouver un DIC (Deviance Information Criterion) minimal pour un rapport de 1:2 (Géographie:PIB), la distance minimale des réseaux de voisinage étant deux fois la distance minimale maximale et une pondération égale de  $1/\text{distance}$  pour chaque pays adjacent.

Cette structure de modèle produit des estimations pour tous les effets fixes et aussi pour le risque individuel au niveau du pays, cela fournit des informations sur ceux qui sont significativement plus à risque ou moins à risque par rapport au risque moyen.

Tous les paramètres étaient a priori non informatifs. Les simulations ont été effectuées avec 3 chaînes MCMC avec 50 000 essais par itération et chaque paramètre estimé à partir de 1 000 échantillons prélevés sur un nombre réduit de 250 000 itérations pour produire la distribution postérieure. La convergence a été atteinte, avec des valeurs  $\hat{r}$  toutes très proches de 1,000. Grâce au cadre bayésien et au logiciel WinBUGS, il a été possible d'obtenir des estimations pour les pays pour lesquels nous n'avions pas de données sur la prévalence, en utilisant leur PIB et leur proximité géographique pour informer cette estimation. Les pays avec le plus grand nombre d'études ont fourni les estimations avec les intervalles de confiance les plus serrés et ceux avec peu ou pas de données étaient moins bien définis, produisant souvent une distribution postérieure log normale, donnant des estimations avec de longues queues.

Les distributions postérieures des paramètres ont été inspectées pour vérifier la convergence et pour vérifier la covariance entre les paramètres. Si nécessaire, les paramètres ont été centrés et mis à l'échelle d'une loi  $N(0, 1)$  pour faciliter la convergence des paramètres et supprimer la covariance. C'est ce qui a été fait pour le paramètre de sexe, qui a été saisi comme la proportion de l'échantillon qui était féminine; on a constaté qu'il covarie avec les paramètres d'interception et de biais avant le recentrage et la mise à l'échelle. Cependant, la covariance de la vaccination systématique et de la dose à la naissance est restée même après recentrage. Ceci n'est en partie pas surprenant car il existe quelques cas où la dose à la naissance est administrée sans la vaccination systématique. Nous avons essayé de réduire cette interaction des termes en transformant les données sur la dose à la naissance. Nous avons modélisé celle-ci en utilisant uniquement les données où la dose à la naissance était supérieure à 60, 70, 80 et 90% respectivement, nous avons également modélisé la dose à la naissance au carré, augmentant ainsi l'effet des doses à la naissance élevées par rapport aux doses plus petites. La sélection du modèle dépendait de celui qui à la fois réduisait la covariance entre les paramètres et retournait le score DIC le plus bas.

La validation du modèle a été effectuée en utilisant 90% des données sélectionnées au hasard contre les 10% restants, et en comparant les estimations de prévalence du modèle aux données observées (figure 3). La figure 4 montre la prévalence moyenne dans chaque pays à partir de toutes les études tracées contre l'estimation du modèle. La figure 5 montre les distributions marginales et conjointes postérieures des paramètres ajustés. Le tableau 1 donne les valeurs estimées des paramètres avec les intervalles de confiance associés.

Lors de l'exercice de validation (au cours duquel les pays ont été consultés au sujet de leurs estimations), il a été souligné que la Chine avait entrepris trois enquêtes sérologiques en population de très grande envergure afin d'établir la prévalence de base et les progrès vers l'élimination du VHB. Il y avait un grand nombre d'autres enquêtes en Chine, qui sont moins représentatives que ces trois enquêtes nationales. Nous avons effectué une analyse de sensibilité en limitant les données de la Chine aux trois enquêtes représentatives au niveau national. Cette modification des données d'entrée a eu pour effet de rendre plus net l'effet de la vaccination, mais les effets estimés sur l'âge (changement de la prévalence chez les enfants de moins de 5 ans ou les jeunes (enfants de 5 à 15 ans)) n'étaient plus significativement différents de zéro (voir tableau 2 et figure 6). La déviance était significativement réduite, ce qui suggère un modèle beaucoup mieux ajusté (tableau 2), bien que sur un ensemble de données quelque peu réduit.

## 4.e. Ajustements

---

Des estimations sont fournies pour les 194 États membres de l'OMS et regroupées en fonction des six régions de l'OMS. Nous fournissons également des estimations selon la classification des revenus et suivons autant que possible les groupements et compositions régionaux des Nations Unies.

## 4.f. Traitement des valeurs manquantes (i) au niveau national (ii) au niveaux régional

---

- Au niveau national :

Toutes les valeurs représentent les meilleures estimations de l'indicateur de l'antigène de surface de l'hépatite B et visent à faciliter la comparabilité entre les pays et dans le temps. Les estimations ne sont pas toujours les mêmes que les estimations nationales officielles, en raison de l'utilisation de méthodologies et de sources de données différentes. Des estimations sont fournies pour 194 États membres de l'OMS. L'analyse a été effectuée pour les groupes d'âge de 0 à 5 ans et pour la population générale. En raison de la rareté des données de certains pays, les estimations sont plus robustes au niveau mondial et régional qu'au niveau national, c'est pourquoi nous suggérons aux pays de se concentrer sur les intervalles de confiance de 95% et pas seulement sur les estimations ponctuelles rapportées.

Une revue de littérature approfondie et solide a été entreprise pour trouver des études sur les 194 États membres de l'OMS, les différents groupes d'âge et le statut de la vaccination. Nous avons mis à jour l'examen systématique de Schweitzer et coll., 2015 qui comprenait une recherche systématique sur les articles publiés entre le 1er janvier 1965 et le 23 octobre 2013. Nous avons mis à jour la recherche systématique pour inclure les articles publiés entre le 23 octobre 2013 et le 30 octobre 2018 dans les bases de données Embase, PubMed, Global Index Medicus, Popline et Web of Science.

Pour chaque pays disposant de données de prévalence, une position centrale pondérée a été calculée en fonction de la taille et du lieu de chaque étude. Pour les pays ne disposant pas de données, nous avons utilisé le centroïde de la population. Veuillez consulter l'explication détaillée ci-dessus.

- Aux niveaux régional et mondial :

Idem à ci-dessus

## 4.g. Agrégations régionales

---

### Sources des divergences :

Les estimations ne sont pas toujours les mêmes que les estimations nationales officielles, en raison de l'utilisation de méthodologies et de sources de données différentes. Les critères de sélection de l'étude étaient similaires à ceux de Schweitzer et coll., 2015. Des études observationnelles sur la séroprévalence chronique de l'infection par le VHB (prévalence de l'AgHBs), réalisées dans la population générale ou chez des donneurs de sang, des travailleurs de la santé et des femmes enceintes, ont été envisagées pour une inclusion dans cette revue systématique. Les études ont été exclues s'il s'agissait de revues systématiques ou de méta-analyses, de rapports de surveillance, d'études de cas, de lettres ou de correspondance, ou si elles ne contenaient pas de données de séroprévalence de l'AgHBs. Les études ont également été exclues si elles rapportaient exclusivement des estimations de prévalence pour les groupes de population à risque élevé (p. ex., les migrants et les réfugiés).

Les estimations nationales peuvent provenir de certaines enquêtes sérologiques.



## 4.h. Méthodes et instructions à la disposition des pays pour la compilation des données au niveau national

---

Sans objet. Les estimations proviennent du modèle mathématique.

« Gather » (Guidelines for Accurate and Transparent Health Estimates Reporting) propose une liste de contrôle d'informations qui devraient être incluses dans les nouveaux rapports sur les estimations de la santé mondiale et promeut de meilleures pratiques en matière de communication des estimations sanitaires. Une série d'indicateurs de santé sont utilisés pour surveiller la santé de la population et orienter l'allocation des ressources dans le monde entier. Cependant le manque de données pour certaines régions et les différentes méthodes de mesure posent des problèmes qui sont souvent résolus en utilisant des techniques de modélisation statistique pour générer des estimations cohérentes basées sur des sources de données souvent disparates. <http://gather-statement.org/>

## 4.j. Assurance de la qualité

---

### Assurance de la qualité :

- Les estimations de l'OMS utilisent une méthodologie examinée par le Comité consultatif de recherche sur la mise en œuvre de la vaccination et des vaccins et présentée au Groupe consultatif stratégique d'experts. Ces estimations ont été documentées en suivant les Directives pour une communication précise et transparente des estimations sanitaires (GATHER).
- L'OMS a donné aux États membres la possibilité d'examiner et de commenter les données et les estimations dans le cadre du processus dit de consultation des pays.

## 5. Disponibilité des données et désagrégation

---

### Disponibilité des données :

Des estimations sont disponibles pour 194 États membres et pour les six régions de l'OMS, ainsi qu'au niveau mondial.

### Séries chronologiques :

Des estimations sont disponibles pour l'ère pré-vaccinale, 2015, 2018 et 2020.

### Désagrégation :

Les variables disponibles sont : groupes d'âge (c'est-à-dire les moins de cinq ans, les cinq ans et plus (bien que ces estimations ne sont pas déclarées) et la population générale); sexe / genre si possible. Bien que les données concernant ce dernier point soient rares. En outre, les données sont disponibles aux niveaux national, régional et mondial.

## 6. Comparabilité / Dérogation des normes internationales

---

Cet ensemble de données représente les meilleures estimations pour l'indicateur de l'antigène de surface de l'hépatite B et vise à faciliter la comparabilité entre les pays et au fil du temps. Les estimations ne sont pas toujours les mêmes que les estimations nationales officielles, en raison de l'utilisation de méthodologies et de sources de données différentes, par exemple les populations spéciales ou les populations à risque ne sont pas incluses dans le modèle de séroprévalence de l'hépatite B. Des estimations sont fournies pour 194 États membres de l'OMS. Le modèle autorégressif conditionnel utilise des données

provenant de pays bien échantillonnés pour estimer la prévalence dans les pays les plus pauvres en données en tenant compte d'effets tels que le sexe, l'âge et le statut vaccinal. En raison de la rareté des données de certains pays, les estimations sont plus robustes au niveau mondial et régional qu'au niveau national, de sorte que l'accent devrait être mis sur les intervalles de confiance de 95% et pas seulement sur les estimations ponctuelles rapportées.

Sources des divergences :

Les critères d'inclusion ou d'exclusion du type d'études de séroprévalence. Des études observationnelles sur la séroprévalence chronique de l'infection par le VHB (prévalence de l'AgHBs), réalisées dans la population générale ou chez des donneurs de sang, des travailleurs de la santé (TS) et des femmes enceintes ont été envisagées. Les études ont été exclues s'il s'agissait de revues systématiques ou de méta-analyses, de rapports de surveillance, d'études de cas, de lettres ou de correspondance, ou si elles ne contenaient pas de données de séroprévalence de l'AgHBs. Les études ont également été exclues si elles rapportaient exclusivement des estimations de prévalence pour les groupes de population à risque élevé (p. ex., les migrants et les réfugiés).

## 7. Références et documentation

---

**Des enquêtes sérologiques sont disponibles pour chaque État membre et des références sont fournies pour chaque point de données.**

**URL :** <http://whohbsagdashboard.com/#global-strategies>